AF367202

LOCUS	AF367202		4590 bp	mRNA	linear	PRI 16-JAN-2002

DEFINITION Homo sapiens ATP-binding cassette protein C11 (ABCC11) mRNA,
            complete cds.
ACCESSION   AF367202
VERSION   AF367202.1 GI:14280090
KEYWORDS   .
SOURCE   human.
  ORGANISM Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1 (bases 1 to 4590)
  AUTHORS   **Yabuuchi,H.**, Shimizu,H., Takayanagi,S. and Ishikawa,T.
  TITLE   Multiple splicing variants of two new human ATP-binding cassette
            transporters, ABCC11 and ABCC12
  JOURNAL   Biochem. Biophys. Res. Commun. 288 (4), 933-939 (2001)
  MEDLINE   21547789
   PUBMED   11688999
REFERENCE   2 (bases 1 to 4590)
  AUTHORS   Yabuuchi,H. and Ishikawa,T.
  TITLE   Molecular cloning and characterization of human ABCC11 cDNA
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   3 (bases 1 to 4590)
  AUTHORS   Yabuuchi,H. and Ishikawa,T.
  TITLE   Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (01-APR-2001) Biomolecular Engineering, Tokyo Institute
            of Technology, 4259 Nagatsuta, Midori-ku, Yokohama, Kanagawa
            226-8501, Japan
FEATURES   Location/Qualifiers
     source   1..4590
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="16"
                     /map="16q12"
                     /tissue_type="liver"
     gene   1..4590
                     /gene="ABCC11"
     CDS   79..4227
                     /gene="ABCC11"
                     /note="transporter"
                     /codon_start=1
                     /product="ATP-binding cassette protein C11"
                     /protein_id="AAK58869.1"
                     /db_xref="GI:14280091"

/translation="MTRKRTYWVPNSSGGLVNRGIDIGDDMVSGLIYKTYTLQDGPWS
QQERNPEAPGRAAVPPWGKYDAALRTMIPFRPKPRFPAPQPLDNAGLFSYLTVSWLTP
LMIQSLRSRLDENTIPPLSVHDASDKNVQRLHRLWEEEVSRRGIEKASVLLVMLRFQR
TRLIFDALLGICFCIASVLGPILIIPKILEYSEEQLGNAVHGVGLCFALFLSECVKSL
SFSSSWIINQRTAIRFRAAVSSFAFEKLIQFKSVIHITSGEAISFFTGDVNYLFEGVC
YGPLVLITCASLVICSISSYFIIGYTAFIAILCYLLVFPLAVFMTRMAVKAQHHTSEV
SDQRIRVTSEVLTCIKLIKMYTWEKPFAEIIEDLRRKERKLLEKCGLVQSLTSITLFI
IPTVATAVWVLIHTSLKLKLTASMAFSMLASLNLLRLSVFFVPIAVKGLTNSKSAVMR
FKKFFLQESPVFYVQTLQDPSKALVFEEATLSWQQTCPGIVNGALELERNGHASEGMT
RPRDALGPEEEGNSLGPELHKINLVVSKGMMLGVCGNTGSGKSSLLSAILEEMHLLEG

SVGVQGSLAYVPQQAWIVSGNIRENILMGGAYDKARYLQVLHCCSLNRDLELLPFGDM
TEIGERGLNLSGGQKQRISLARAVYSDRQIYLLDDPLSAVDAHVGKHIFEECIKKTLR
GKTVVLVTHQLQYLEFCGQIILLENGKICENGTHSELMQKKGKYAQLIQKMHKEATSD
MLQDTAKIAEKPKVESQALATSLEESLNGNAVPEHQLTQEEEMEEGSLSWRVYHHYIQ
AAGGYMVSCIIFFFVVLIVFLTIFSFWWLSYWLEQGSGTNSSRESNGTMADLGNIADN
PQLSFYQLVYGLNALLLICVGVCSSGIFTKVTRKASTALHNKLFNKVFRCPMSFFDTI
PIGRLLNCFAGDLEQLDQLLPIFSEQFLVLSLMVIAVLLIVSVLSPYILLMGAIIMVI
CFIYYMMFKKAIGVFKRLENYSRSPLFSHILNSLQGLSSIHVYGKTEDFISQFKRLTD
AQNNYLLLFLSSTRWMALRLEIMTNLVTLAVALFVAFGISSTPYSFKVMAVNIVLQLA
SSFQATARIGLETEAQFTAVERILQYMKMCVSEAPLHMEGTSCPQGWPQHGEIIFQDY
HMKYRDNTPTVLHGINLTIRGHEVVGIVGRTGSGKSSLGMALFRLVEPMAGRILIDGV
DICSIGLEDLRSKLSVIPQDPVLLSGTIRFNLDPFDRHTDQQIWDALERTFLTKAISK
FPKKLHTDVVENGGNFSVGERQLLCIARAVLRNSKIILIDEATASIDMETDTLIQRTI
REAFQGCTVLVIAHRVTTVLNCDHILVMGNGKVVEFDRPEVLRKKPGSLFAALMATAT
SSLR"

BASE COUNT   1109 a   1160 c   1209 g   1112 t
ORIGIN

   Query Match   86.1%;   Score 3151.4;   DB 9;   Length 4590;
   Best Local Similarity   88.1%;   Pred. No. 0;
   Matches 3654;   Conservative   0;   Mismatches   6;   Indels   489;   Gaps
1;

Qy   1 atgactaggaagaggacatactgggtgcccaactcttctggtggcctcgtgaatcgtggc 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   79 ATGACTAGGAAGAGGACATACTGGGTGCCCAACTCTTCTGGTGGCCTCGTGAATCGTGGC 138

Qy   61 atcgacataggcgatgacatggtttcaggacttatttataaaacctatactctccaagat 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   139 ATCGACATAGGCGATGACATGGTTTCAGGACTTATTTATAAAACCTATACTCTCCAAGAT 198

Qy   121 ggcccctggagtcagcaagagagaaatcctgaggctccagggagggcagctgtcccaccg 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   199 GGCCCCTGGAGTCAGCAAGAGAGAAATCCTGAGGCTCCAGGGAGGGCAGCTGTCCCACCG 258

Qy   181 tgggggaagtatgatgctgccttgagaaccatgattcccttccgtcccaagccgaggttt 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   259 TGGGGGAAGTATGATGCTGCCTTGAGAACCATGATTCCCTTCCGTCCCAAGCCGAGGTTT 318

Qy   241 cctgccccccagcccctggacaatgctggcctgttctcctacctcaccgtgtcatggctc 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   319 CCTGCCCCCCAGCCCCTGGACAATGCTGGCCTGTTCTCCTACCTCACCGTGTCATGGCTC 378

Qy   301 accccgctcatgatccaaagcttacggagtcgcttagatgagaacaccatccctccactg 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   379 ACCCCGCTCATGATCCAAAGCTTACGGAGTCGCTTAGATGAGAACACCATCCCTCCACTG 438

Qy   361 tcagtccatgatgcctcagacaaaaatgtccaaaggcttcaccgcctttgggaagaagaa 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   439 TCAGTCCATGATGCCTCAGACAAAAATGTCCAAAGGCTTCACCGCCTTTGGGAAGAAGAA 498

Qy   421 gtctcaaggcgagggattgaaaaagcttcagtgcttctggtgatgctgaggttccagaga 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   499 GTCTCAAGGCGAGGGATTGAAAAAGCTTCAGTGCTTCTGGTGATGCTGAGGTTCCAGAGA 558

Qy   481 acaaggttgattttcgatgcacttctgggcatctgcttctgcattgccagtgtactcggg 540

```
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     559  ACAAGGTTGATTTTCGATGCACTTCTGGGCATCTGCTTCTGCATTGCCAGTGTACTCGGG  618

Qy     541  ccaatattgattataccaaagatcctggaatattcagaagagcagttggggaatgttgtc  600
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db     619  CCAATATTGATTATACCAAAGATCCTGGAATATTCAGAAGAGCAGTTGGGGAATGCTGTC  678

Qy     601  catggagtgggactctgctttgcccttttttctctccgaatgtgtgaagtctctgagtttc  660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db     679  CATGGAGTGGGACTCTGCTTTGCCCTTTTTCTCTCCGAATGCGTGAAGTCTCTGAGTTTC  738

Qy     661  tcctccagttggatcatcaaccaacgcacagccatcaggttccaagcagctgtttcctcc  720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db     739  TCCTCCAGTTGGATCATCAACCAACGCACAGCCATCAGGTTCCGAGCAGCTGTTTCCTCC  798

Qy     721  tttgcctttgagaagctcatccaatttaagtctgtaatacacatcacctcaggagaggcc  780
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     799  TTTGCCTTTGAGAAGCTCATCCAATTTAAGTCTGTAATACACATCACCTCAGGAGAGGCC  858

Qy     781  atcagcttcttcaccggtgatgtaaactacctgtttgaaggggtgtgctatggaccccta  840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     859  ATCAGCTTCTTCACCGGTGATGTAAACTACCTGTTTGAAGGGGTGTGCTATGGACCCCTA  918

Qy     841  gtactgatcacctgcgcatcgctggtcatctgcagcatttcttcctacttcattattgga  900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     919  GTACTGATCACCTGCGCATCGCTGGTCATCTGCAGCATTTCTTCCTACTTCATTATTGGA  978

Qy     901  tacactgcatttattgccatcttatgctatctcctggttttcccactggaggtattcatg  960
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db     979  TACACTGCATTTATTGCCATCTTATGCTATCTCCTGGTTTTCCCACTGGCGGTATTCATG  1038

Qy     961  acaagaatggctgtgaaggctcagcatcacacatctgaggtcagcgaccagcgcatccgt  1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1039  ACAAGAATGGCTGTGAAGGCTCAGCATCACACATCTGAGGTCAGCGACCAGCGCATCCGT  1098

Qy    1021  gtgaccagtgaagttctcacttgcattaagctgattaaaatgtacacatgggagaaacca  1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1099  GTGACCAGTGAAGTTCTCACTTGCATTAAGCTGATTAAAATGTACACATGGGAGAAACCA  1158

Qy    1081  tttgcaaaaatcattgaagacctaagaaggaaggaaaggaagctattggagaagtgcggg  1140
            |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db    1159  TTTGCAGAAATCATTGAAGACCTAAGAAGGAAGGAAAGGAAACTATTGGAGAAGTGCGGG  1218

Qy    1141  cttgtccagagcctgacaagtataaccttgttcatcatccccacagtggccacagcggtc  1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1219  CTTGTCCAGAGCCTGACAAGTATAACCTTGTTCATCATCCCCACAGTGGCCACAGCGGTC  1278

Qy    1201  tgggttctcatccacacatccttaaagctgaaactcacagcgtcaatggccttcagcatg  1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1279  TGGGTTCTCATCCACACATCCTTAAAGCTGAAACTCACAGCGTCAATGGCCTTCAGCATG  1338

Qy    1261  ctggcctccttgaatctccttcggctgtcagtgttctttgtgcctattgcagtcaaaggt  1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1339  CTGGCCTCCTTGAATCTCCTTCGGCTGTCAGTGTTCTTTGTGCCTATTGCAGTCAAAGGT  1398

Qy    1321  ctcacgaattccaagtctgcagtgatgaggttcaagaagttttttcctccaggagagccct  1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   1399 CTCACGAATTCCAAGTCTGCAGTGATGAGGTTCAAGAAGTTTTTCCTCCAGGAGAGCCCT 1458

Qy   1381 gttttctatgtccagacattacaagaccccagcaaagctctggtctttgaggaggccacc 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1459 GTTTTCTATGTCCAGACATTACAAGACCCCAGCAAAGCTCTGGTCTTTGAGGAGGCCACC 1518

Qy   1441 ttgtcatggcaacagacctgtcccgggatcgtcaatggggcactggagctggagaggaac 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1519 TTGTCATGGCAACAGACCTGTCCCGGGATCGTCAATGGGGCACTGGAGCTGGAGAGGAAC 1578

Qy   1501 gggcatgcttctgaggggatgaccaggcctagagatgccctcgggccagaggaagaaggg 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1579 GGGCATGCTTCTGAGGGGATGACCAGGCCTAGAGATGCCCTCGGGCCAGAGGAAGAAGGG 1638

Qy   1561 aacagcctgggcccagagttgcacaagatcaacctggtggtgtccaagggggatgatgtta 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1639 AACAGCCTGGGCCCAGAGTTGCACAAGATCAACCTGGTGGTGTCCAAGGGGATGATGTTA 1698

Qy   1621 ggggtctgcggcaacacggggagtggtaagagcagcctgttgtcagccatcctggaggag 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1699 GGGGTCTGCGGCAACACGGGGAGTGGTAAGAGCAGCCTGTTGTCAGCCATCCTGGAGGAG 1758

Qy   1681 atgcacttgctcgagggctcggtggggggtgcagggaagcctggcctatgtcccccagcag 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1759 ATGCACTTGCTCGAGGGCTCGGTGGGGGGTGCAGGGAAGCCTGGCCTATGTCCCCCAGCAG 1818

Qy   1741 gcctggatcgtcagcgggaacatcagggagaacatcctcatgggaggcgcatatgacaag 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1819 GCCTGGATCGTCAGCGGGAACATCAGGGAGAACATCCTCATGGGAGGCGCATATGACAAG 1878

Qy   1801 gcccgatacctccaggtgctccactgctgctccctgaatcgggacctggaacttctgccc 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1879 GCCCGATACCTCCAGGTGCTCCACTGCTGCTCCCTGAATCGGGACCTGGAACTTCTGCCC 1938

Qy   1861 tttggagacatgacagagattggagagcggggcctcaacctctctggggggcagaaacag 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1939 TTTGGAGACATGACAGAGATTGGAGAGCGGGGCCTCAACCTCTCTGGGGGGCAGAAACAG 1998

Qy   1921 aggatcagcctggcccgcgccgtctattccgaccgtcagatctacctgctggacgacccc 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1999 AGGATCAGCCTGGCCCGCGCCGTCTATTCCGACCGTCAGATCTACCTGCTGGACGACCCC 2058

Qy   1981 ctgtctgctgtggacgcccacgtggggaagcacatttttgaggagtgcattaagaagaca 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2059 CTGTCTGCTGTGGACGCCCACGTGGGGAAGCACATTTTTGAGGAGTGCATTAAGAAGACA 2118

Qy   2041 ctcaggggggaagacggtcgtcctggtgacccaccagctgcagtacttagaattttgtggc 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2119 CTCAGGGGGAAGACGGTCGTCCTGGTGACCCACCAGCTGCAGTACTTAGAATTTTGTGGC 2178

Qy   2101 cagatcattttgttggaaaatgggaaaatctgtgaaaatggaactcacagtgagttaatg 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2179 CAGATCATTTTGTTGGAAAATGGGAAAATCTGTGAAAATGGAACTCACAGTGAGTTAATG 2238

Qy   2161 cagaaaaagggggaaatatgcccaacttatccagaagatgcacaaggaagccacttc---- 2216
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2239 CAGAAAAAGGGGAAATATGCCCAACTTATCCAGAAGATGCACAAGGAAGCCACTTCGGAC 2298
```

```
Qy    2217 ------------------------------------------------------ 2216

Db    2299 ATGCTGCAGGACACAGCAAAGATAGCAGAGAAGCCAAAGGTAGAAAGTCAGGCTCTGGCC 2358

Qy    2217 ------------------------------------------------------ 2216

Db    2359 ACCTCCCTGGAAGAGTCTCTCAACGGAAATGCTGTGCCGGAGCATCAGCTCACACAGGAG 2418

Qy    2217 ------------------------------------------------------ 2216

Db    2419 GAGGAGATGGAAGAAGGCTCCTTGAGTTGGAGGGTCTACCACCACTACATCCAGGCAGCT 2478

Qy    2217 ------------------------------------------------------ 2216

Db    2479 GGAGGTTACATGGTCTCTTGCATAATTTTCTTCTTCGTGGTGCTGATCGTCTTCTTAACG 2538

Qy    2217 ------------------------------------------------------ 2216

Db    2539 ATCTTCAGCTTCTGGTGGCTGAGCTACTGGTTGGAGCAGGGCTCGGGGACCAATAGCAGC 2598

Qy    2217 ------------------------------------------------------ 2216

Db    2599 CGAGAGAGCAATGGAACCATGGCAGACCTGGGCAACATTGCAGACAATCCTCAACTGTCC 2658

Qy    2217 ------------------------------------------------------ 2216

Db    2659 TTCTACCAGCTGGTGTACGGGCTCAACGCCCTGCTCCTCATCTGTGTGGGGGTCTGCTCC 2718

Qy    2217 ------------------------------------------------------ 2216

Db    2719 TCAGGGATTTTCACCAAGGTCACGAGGAAGGCATCCACGGCCCTGCACAACAAGCTCTTT 2778

Qy    2217 -----ggttttccgctgccccatgagtttctttgacaccatcccaataggccggcttttg 2271
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2779 AACAAGGTTTTCCGCTGCCCCATGAGTTTCTTTGACACCATCCCAATAGGCCGGCTTTTG 2838

Qy    2272 aactgcttcgcaggggacttggaacagctggaccagctcttgcccatctttttcagagcag 2331
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2839 AACTGCTTCGCAGGGGACTTGGAACAGCTGGACCAGCTCTTGCCCATCTTTTCAGAGCAG 2898

Qy    2332 ttcctggtcctgtccttaatggtgatcgccgtcctgttgattgtcagtgtgctgtctcca 2391
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2899 TTCCTGGTCCTGTCCTTAATGGTGATCGCCGTCCTGTTGATTGTCAGTGTGCTGTCTCCA 2958

Qy    2392 tatatcctgttaatgggagccataatcatggttatttgcttcatttattatatgatgttc 2451
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2959 TATATCCTGTTAATGGGAGCCATAATCATGGTTATTTGCTTCATTTATTATATGATGTTC 3018

Qy    2452 aagaaggccatcggtgtgttcaagagactggagaactatagccggtctcctttattctcc 2511
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3019 AAGAAGGCCATCGGTGTGTTCAAGAGACTGGAGAACTATAGCCGGTCTCCTTTATTCTCC 3078

Qy    2512 cacatcctcaattctctgcaaggcctgagctccatccatgtctatggaaaaactgaagac 2571
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3079 CACATCCTCAATTCTCTGCAAGGCCTGAGCTCCATCCATGTCTATGGAAAAACTGAAGAC 3138
```

```
Qy   2572  ttcatcagccagtttaagaggctgactgatgcgcagaataactacctgctgttgtttcta 2631
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3139  TTCATCAGCCAGTTTAAGAGGCTGACTGATGCGCAGAATAACTACCTGCTGTTGTTTCTA 3198

Qy   2632  tcttccacacgatggatggcattgaggctggagatcatgaccaaccttgtgaccttggct 2691
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3199  TCTTCCACACGATGGATGGCATTGAGGCTGGAGATCATGACCAACCTTGTGACCTTGGCT 3258

Qy   2692  gttgccctgttcgtggcttttggcatttcctccaccccctactcctttaaagtcatggct 2751
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3259  GTTGCCCTGTTCGTGGCTTTTGGCATTTCCTCCACCCCCTACTCCTTTAAAGTCATGGCT 3318

Qy   2752  gtcaacatcgtgctgcagctggcgtccagcttccaggccactgcccggattggcttggag 2811
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3319  GTCAACATCGTGCTGCAGCTGGCGTCCAGCTTCCAGGCCACTGCCCGGATTGGCTTGGAG 3378

Qy   2812  acagaggcacagttcacggctgtagagaggatactgcagtacatgaagatgtgtgtctcg 2871
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3379  ACAGAGGCACAGTTCACGGCTGTAGAGAGGATACTGCAGTACATGAAGATGTGTGTCTCG 3438

Qy   2872  gaagctcctttacacatggaaggcacaagttgtccccagggggtggccacagcatggggaa 2931
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3439  GAAGCTCCTTTACACATGGAAGGCACAAGTTGTCCCCAGGGGTGGCCACAGCATGGGGAA 3498

Qy   2932  atcatatttcaggattatcacatgaaatacagagacaacacacccaccgtgcttcacggc 2991
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3499  ATCATATTTCAGGATTATCACATGAAATACAGAGACAACACACCCACCGTGCTTCACGGC 3558

Qy   2992  atcaacctgaccatccgcggccacgaagtggtgggcatcgtgggaaggacgggctctggg 3051
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3559  ATCAACCTGACCATCCGCGGCCACGAAGTGGTGGGCATCGTGGGAAGGACGGGCTCTGGG 3618

Qy   3052  aagtcctccttgggcatggctctcttccgcctggtggagcccatggcaggccggattctc 3111
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||.||||||||||||||||||
Db   3619  AAGTCCTCCTTGGGCATGGCTCTCTTCCGCCTGGTGGAGCCCATGGCAGGCCGGATTCTC 3678

Qy   3112  attgacggcgtggacatttgcagcatcggcctggaggacttgcggtccaagctctcagtg 3171
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3679  ATTGACGGCGTGGACATTTGCAGCATCGGCCTGGAGGACTTGCGGTCCAAGCTCTCAGTG 3738

Qy   3172  atccctcaagatccagtgctgctctcaggaaccatcagattcaacctagatccctttgac 3231
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3739  ATCCCTCAAGATCCAGTGCTGCTCTCAGGAACCATCAGATTCAACCTAGATCCCTTTGAC 3798

Qy   3232  cgtcacactgaccagcagatctgggatgccttggagaggacattcctgaccaaggccatc 3291
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3799  CGTCACACTGACCAGCAGATCTGGGATGCCTTGGAGAGGACATTCCTGACCAAGGCCATC 3858

Qy   3292  tcaaagttcccccaaaaagctgcatacagatgtggtggaaaacggtggaaacttctctgtg 3351
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3859  TCAAAGTTCCCCAAAAAGCTGCATACAGATGTGGTGGAAAACGGTGGAAACTTCTCTGTG 3918

Qy   3352  ggggagaggcagctgctctgcattgccagggctgtgcttcgcaactccaagatcatcctt 3411
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3919  GGGGAGAGGCAGCTGCTCTGCATTGCCAGGGCTGTGCTTCGCAACTCCAAGATCATCCTT 3978

Qy   3412  atcgatgaagccacagcctccattgacatggagacagacaccctgatccagcgcacaatc 3471
```

```
Db    3979 ATCGATGAAGCCACAGCCTCCATTGACATGGAGACAGACACCCTGATCCAGCGCACAATC 4038
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    3472 cgtgaagccttccagggctgcaccgtgctcgtcattgcccaccgtgtcaccactgtgctg 3531
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4039 CGTGAAGCCTTCCAGGGCTGCACCGTGCTCGTCATTGCCCACCGTGTCACCACTGTGCTG 4098
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    3532 aactgtgaccacatcctggttatgggcaatgggaaggtggtagaatttgatcggccggag 3591
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4099 AACTGTGACCACATCCTGGTTATGGGCAATGGGAAGGTGGTAGAATTTGATCGGCCGGAG 4158
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    3592 gtactgcggaagaagcctgggtcattgttcgcagccctcatggccacagccacttcttca 3651
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4159 GTACTGCGGAAGAAGCCTGGGTCATTGTTCGCAGCCCTCATGGCCACAGCCACTTCTTCA 4218
           |||||||||
Qy    3652 ctgagataa 3660
           |||||||||
Db    4219 CTGAGATAA 4227
```